



Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing nucleotide.

```
          *          20          *          40          *
Seqid1 : ATGAGATCTTCTTTCCGGTTGAAGCCGATTTGTTTTATCTTATGGGTGT : 50
Seqid3 : ..... : 50
Seqid5 : .....C..... : 50
```

```
          60          *          80          *          100
Seqid1 : TATGCTATATCATCATAGTTATGCCGAAGATGCAGGGCGCGCGGGCAGCG : 100
Seqid3 : ..... : 100
Seqid5 : ..C.....T..... : 100
```

```
          *          120          *          140          *
Seqid1 : AGGCGCAGATACAGTTTTTGAAGATGTGCACGTCAAGGCGAAGCGCGTA : 150
Seqid3 : ..... : 150
Seqid5 : ..... : 150
```

```
          160          *          180          *          200
Seqid1 : CCGAAAGACAAAAAGTGTTTACCGATGCGCGTGCCGTATCGACCCGTCA : 200
Seqid3 : ..... : 200
Seqid5 : ..... : 200
```

```
          *          220          *          240          *
Seqid1 : GGATATATTCAAATCCAGCGAAAACCTCGACAACATCGTACGCAGCATCC : 250
Seqid3 : ..... : 250
Seqid5 : ..... : 250
```

```
          260          *          280          *          300
Seqid1 : CCGGTGCGTTTACACAGCAAGATAAAAGCTCGGGCATTGTGTCTTTGAAT : 300
Seqid3 : ..... : 300
Seqid5 : ..... : 300
```



Figure 1B

	*	320	*	340	*	
Seqid1	:	ATTCGCGGCGACAGCGGGTTCGGGCGGGTCAATACGATGGTGGACGGCAT	:	350		
Seqid3	:	:	350		
Seqid5	:	:	350		
		360	*	380	*	400
Seqid1	:	CACGCAGACCTTTTATTCGACTTCTACCGATGCGGGCAGGGCAGGCGGTT	:	400		
Seqid3	:	:	400		
Seqid5	:	:	400		
	*	420	*	440	*	
Seqid1	:	CATCTCAATTTCGGTGCATCTGTCGACAGCAATTTTATTGCCGGACTGGAT	:	450		
Seqid3	:	:	450		
Seqid5	:	:	450		
		460	*	480	*	500
Seqid1	:	GTCGTCAAAGGCAGCTTCAGCGGCTCGGCAGGCATCAACAGCCTTGCCGG	:	500		
Seqid3	:	:	500		
Seqid5	:	:	500		
	*	520	*	540	*	
Seqid1	:	TTCGGCGAATCTGCGGACTTTAGGCGTGATGACGTCGTTTCAGGGCAATA	:	550		
Seqid3	:	:	550		
Seqid5	:	:	550		
		560	*	580	*	600
Seqid1	:	ATACCTACGGCCTGCTGCTAAAAGGTCTGACCGGCACCAATTCAACCAAA	:	600		
Seqid3	:	:	600		
Seqid5	:	:	600		
	*	620	*	640	*	
Seqid1	:	GGTAATGCGATGGCGGCGATAGGTGCGCGCAAATGGCTGGAAAGCGGAGC	:	650		



Figure 1C

Seqid3 : : 650
Seqid5 : : 650

660 * 680 * 700
Seqid1 : ATCTGTCGGTGTGCTTTACGGGCACAGCGCACGTGGGCGCAAAATT : 700
Seqid3 :GCGT..... : 700
Seqid5 :GCGT..... : 700

* 720 * 740 *
Seqid1 : ACCGCGTGGGCGGCGGGCAGCACATCGGAAATTTGGCGCGGAATAT : 750
Seqid3 : : 750
Seqid5 : : 750

760 * 780 * 800
Seqid1 : CTGGAACGGCGCAAACAGCGATATTTGTACAAGAAGGCGGGTTGAAATT : 800
Seqid3 :G..... : 800
Seqid5 : T.....G.....G..T.CT..... : 800

* 820 * 840 *
Seqid1 : CAATTCCAACAGCGGAAAATGGGAGCGGGATTTCCAAAGGCCGTACTGGA : 850
Seqid3 : : 850
Seqid5 :G.....A.....AAC.G.... : 850

860 * 880 * 900
Seqid1 : AAACCAAGTGGTATCAAAAATACAATGACCCCCAAGAACTGCAAAAATAC : 900
Seqid3 : : 900
Seqid5 : ..TA...CC...A...T....CA...--.....A..... : 897

* 920 * 940 *
Seqid1 : ATCGAAGGTCATGACAAAAGCTGGCGGGAAACCTGGCGCCGCAATACGA : 950
Seqid3 : : 950
Seqid5 : : 947



Figure 1D

960 * 980 * 1000
Seqid1 : CATCACCCCATCGATCCGTCCAGCCTGAAGCAGCAGTCGGCAGGCAATC : 1000
Seqid3 : : 1000
Seqid5 : : 997

* 1020 * 1040 *
Seqid1 : TGTTTAAATTGGAATACGACGGCGTATTCAATAAATACACGGCGCAATTT : 1050
Seqid3 : : 1050
Seqid5 : : 1047

1060 * 1080 * 1100
Seqid1 : CGCGATTTAAACACCAAAATCGGCAGCCGCAAAATCATCAACCGCAATTA : 1100
Seqid3 : : 1100
Seqid5 : : 1097

* 1120 * 1140 *
Seqid1 : TCAATTCAATTACGGTTTATCTTTAAACTCATATGCCAACCTCAATCTGA : 1150
Seqid3 : : 1150
Seqid5 : ...G.....G.....G...C.G...A..... : 1147

1160 * 1180 * 1200
Seqid1 : CCGCAGCCTACAATTTCGGGCAGGCAGAAATATCCGAAAGGGTCGAAGTTT : 1200
Seqid3 : : 1200
Seqid5 : : 1197

* 1220 * 1240 *
Seqid1 : ACAGGCTGGGGGCTTTTAAAAGATTTTGAAACCTACAACAACGCGAAAAT : 1250
Seqid3 : : 1250
Seqid5 :G..... : 1247

1260 * 1280 * 1300
Seqid1 : CCTCGACCTCAACAACACCGCCACCTTCCGGCTGCCCCGCGAAACCGAGT : 1300
Seqid3 : : 1300
Seqid5 : : 1297



Figure 1E

```

      *      1320      *      1340      *
Seqid1 : TGCAAACCACTTTGGGCTTCAATTATTTCCACAACGAATACGGCAAAAAC : 1350
Seqid3 : ..... : 1350
Seqid5 : ..... : 1347

      1360      *      1380      *      1400
Seqid1 : CGCTTTCCTGAAGAATTGGGGCTGTTTTTCGACGGTCCGGATCAGGACAA : 1400
Seqid3 : ..... : 1400
Seqid5 : .....T..... : 1397

      *      1420      *      1440      *
Seqid1 : CGGGCTTTATTCCTATTTGGGGCGGTTTAAGGGCGATAAAGGGCTGCTGC : 1450
Seqid3 : ..... : 1450
Seqid5 : ..... : 1447

      1460      *      1480      *      1500
Seqid1 : CCCAAAAATCAACCATCGTCCAACCGGCCGAGCCAATATTTCAACACG : 1500
Seqid3 : ..... : 1500
Seqid5 : .....T..... : 1497

      *      1520      *      1540      *
Seqid1 : TTCTACTTCGATGCCGCGCTCAAAAAAGACATTTACCGCTTAAACTACAG : 1550
Seqid3 : ..... : 1550
Seqid5 : ..... : 1547

      1560      *      1580      *      1600
Seqid1 : CACCAATACCGTCGGCTACCGTTTCGGCGGCGAATATACGGGCTATTACG : 1600
Seqid3 : ..... : 1600
Seqid5 : ..... : 1597

      *      1620      *      1640      *
Seqid1 : GCTCGGATGACGAATTTAAGCGGGCATTTCGGAGAAAACGCGCGACATAC : 1650
```



Figure 1F

Seqid3 : : 1650
Seqid5 : : 1647

1660 * 1680 * 1700
Seqid1 : AAGAAACATTGCAACCAGAGCTGCGGAATTTATGAACCCGTATTGAAAAA : 1700
Seqid3 : : 1700
Seqid5 :G.....G..... : 1697

* 1720 * 1740 *
Seqid1 : ATACGGCAAAAAGCGCGCCAACAACCATTCGGTCAGCATTAGTGCGGACT : 1750
Seqid3 : : 1750
Seqid5 : : 1747

1760 * 1780 * 1800
Seqid1 : TCGGCGATTATTTTCATGCCGTTGCCAGCTATTCGCGCACACACCGTATG : 1800
Seqid3 : : 1800
Seqid5 : : 1797

* 1820 * 1840 *
Seqid1 : CCCAACATCCAAGAAATGTATTTTTCCCAAATCGGCGACTCCGGCGTTCA : 1850
Seqid3 : : 1850
Seqid5 : : 1847

1860 * 1880 * 1900
Seqid1 : CACCGCCTTAAAACCAGAGCGCGCAAACACTTGGCAATTTGGCTTCAATA : 1900
Seqid3 : : 1900
Seqid5 : : 1897

* 1920 * 1940 *
Seqid1 : CCTATAAAAAAGGATTGTTAAAACAAGATGATACATTAGGATTAAACTG : 1950
Seqid3 : : 1950
Seqid5 : : 1947



Figure 1G

	1960	*	1980	*	2000	
Seqid1	:	GTCGGCTACCGCAGCCGCATCGACA	ACTACATCCACAACGTTTACGGGAA	:	2000	
Seqid3	:		:	2000	
Seqid5	:		:	1997	
		*	2020	*	2040	*
Seqid1	:	ATGGTGGGATTTGAACGGGAATATTCCGAGCTGGGTCAGCAGCACCGGGC	:	2050		
Seqid3	:	:	2050		
Seqid5	:G.....	:	2047		
	2060	*	2080	*	2100	
Seqid1	:	TTGCCTACACCATCCAACACCGCAATTTCAAAGACAAAGTACACAAACAC	:	2100		
Seqid3	:	:	2100		
Seqid5	:T.....G.....	:	2097		
		*	2120	*	2140	*
Seqid1	:	GGTTTTGAGTTGGAGCTGAATTACGATTATGGGCGTTTTTTTCACCAACCT	:	2150		
Seqid3	:	:	2150		
Seqid5	:	:	2147		
	2160	*	2180	*	2200	
Seqid1	:	TTCTTACGCCTATCAAAAAAGCACGCAACCGACCAACTTCAGCGATGCGA	:	2200		
Seqid3	:	:	2200		
Seqid5	:	:	2197		
		*	2220	*	2240	*
Seqid1	:	GCGAATCGCCCAACAATGCGTCCAAAGAAGACCAACTCAAACAAGGTTAT	:	2250		
Seqid3	:	:	2250		
Seqid5	:	:	2247		
	2260	*	2280	*	2300	
Seqid1	:	GGGTTGAGCAGGGTTTCCGCCCTGCCGCGAGATTACGGACGTTTGGAAGT	:	2300		
Seqid3	:	:	2300		

Figure 1H



Figure 1I

* 2620 * 2640 *

Seqid1 : AACGCAGCGTTATTACAGTTCGTTTCGACCCGAAAGACAAGGACGAAGAAG : 2650

Seqid3 : : 2650

Seqid5 :C.....C. : 2647

 2660 * 2680 * 2700

Seqid1 : TAACGTGTAATGCTGATAAAACGTTGTGCAACGGCAAATACGGCGGCACA : 2700

Seqid3 : : 2700

Seqid5 : : 2697

* 2720 * 2740 *

Seqid1 : AGCAAAAGCGTATTGACCAATTTTGCACGCGGACGCACCTTTTGTATAAC : 2750

Seqid3 : : 2750

Seqid5 : : 2747

 2760

Seqid1 : GATGAGCTACAAGTTTTAA : 2769

Seqid3 : : 2769

Seqid5 : : 2766

2769
2769
2766



Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot, and a dash (“-“) indicates a missing amino acid.

```
          *          20          *          40          *
Seqid2 : MRSSFRLKPICFYLMGVMLYHHSYAEDAGRAGSEAQIQVLEDVHVKAARV : 50
Seqid4 : ..... : 50
Seqid6 : .....T...Y..... : 50
```

```
          60          *          80          *          100
Seqid2 : PKDKKVFTDARAVSTRQDIFKSSSENLDNIVRSIPGAFTQQDKSSGIVSLN : 100
Seqid4 : ..... : 100
Seqid6 : ..... : 100
```

```
          *          120          *          140          *
Seqid2 : IRGDSGFGRVNTMVDGITQTFYSTSTDAGRAGGSSQFGASVDSNFIAGLD : 150
Seqid4 : ..... : 150
Seqid6 : ..... : 150
```

```
          160          *          180          *          200
Seqid2 : VVKGSFSGSAGINSLAGSANLRTLGVDDVVQGNNTYGLLLKGLTGTNSTK : 200
Seqid4 : ..... : 200
Seqid6 : ..... : 200
```

```
          *          220          *          240          *
Seqid2 : GNAMAAIGARKWLESGASVGVLYGHSRRTWAQNYRVGGGGQHIGNFGAEY : 250
Seqid4 : .....SV..... : 250
Seqid6 : .....SV..... : 250
```



Figure 2B

260 * 280 * 300
Seqid2 : LERRKQRYFVQEGGLKFNSNSGKWERDFQRPYWKTKWYQKYNDPQELQKY : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 :A....D.....L..QQ..Y.P.KN..N-..... : 299

* 320 * 340 *
Seqid2 : IEGHDKSWREN LAPQYDITPIDPSSLKQQSAGNLFKLEYDGVFNKYTAQF : 350
Seqid4 : : 350
Seqid6 : : 349

360 * 380 * 400
Seqid2 : RDLN TKIGSRKI INRNYQFN YGLSLNSYANLNLTAA YNSGRQKYPKGSKF : 400
Seqid4 : : 400
Seqid6 :P.T..... : 399

* 420 * 440 *
Seqid2 : TGWGLLKDFETYNNAKILD LNNTATFRLPRETELQTTLGFNYFHNEYGKN : 450
Seqid4 : : 450
Seqid6 : : 449

460 * 480 * 500
Seqid2 : RFPEELGLFFDGPDQDNGLYSYLGRFKGDKGLLPQKSTIVQPAGSQYFNT : 500
Seqid4 : : 500
Seqid6 : : 499

* 520 * 540 *
Seqid2 : FYFDAALKKDIYRLNYSTNTVGYRFGGEYTGYYGSDDEFKRAFGENSPTY : 550
Seqid4 : : 550
Seqid6 : : 549

Handwritten signature and date: 7/28/03



Figure 2D

860 * 880 * 900
Seqid2 : LFD RRYIDPLDAGNDAATQ RYYSSFDPKDKDEEVTCNADKTL CNGKYGGT : 900
Seqid4 : : 900
Seqid6 :D..... : 899

 * 920
Seqid2 : SKSVLTNFARGRTFLITMSYKF : 922
Seqid4 : : 922
Seqid6 : : 921

2003



Figure 3

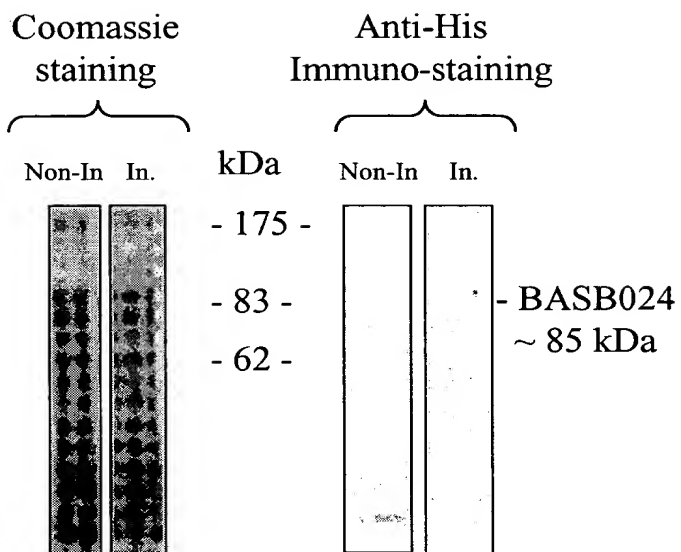
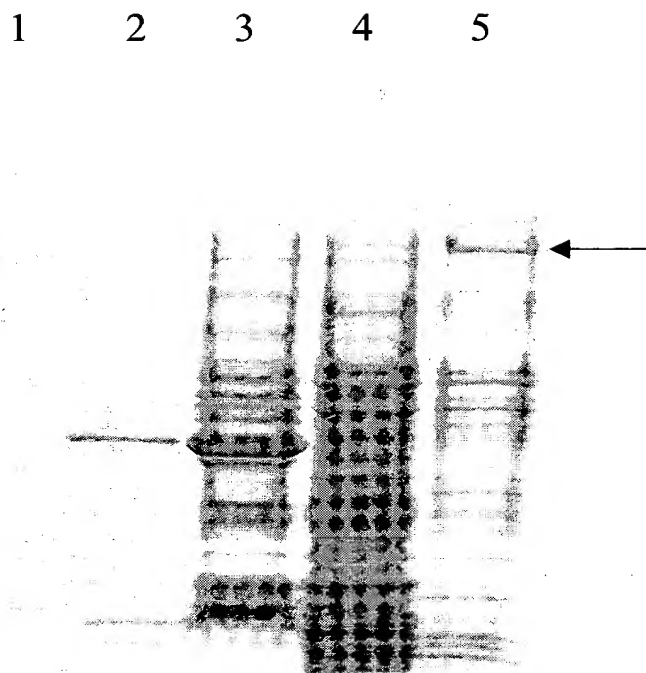
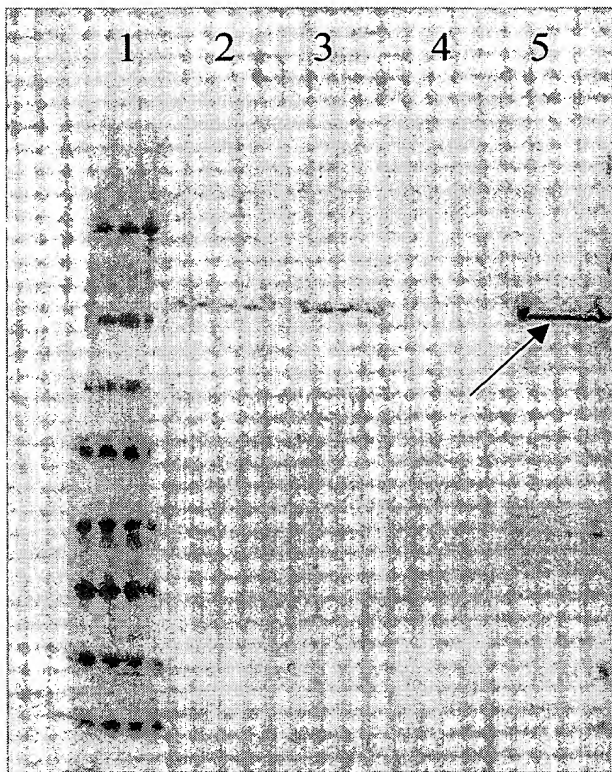


Figure 4



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool

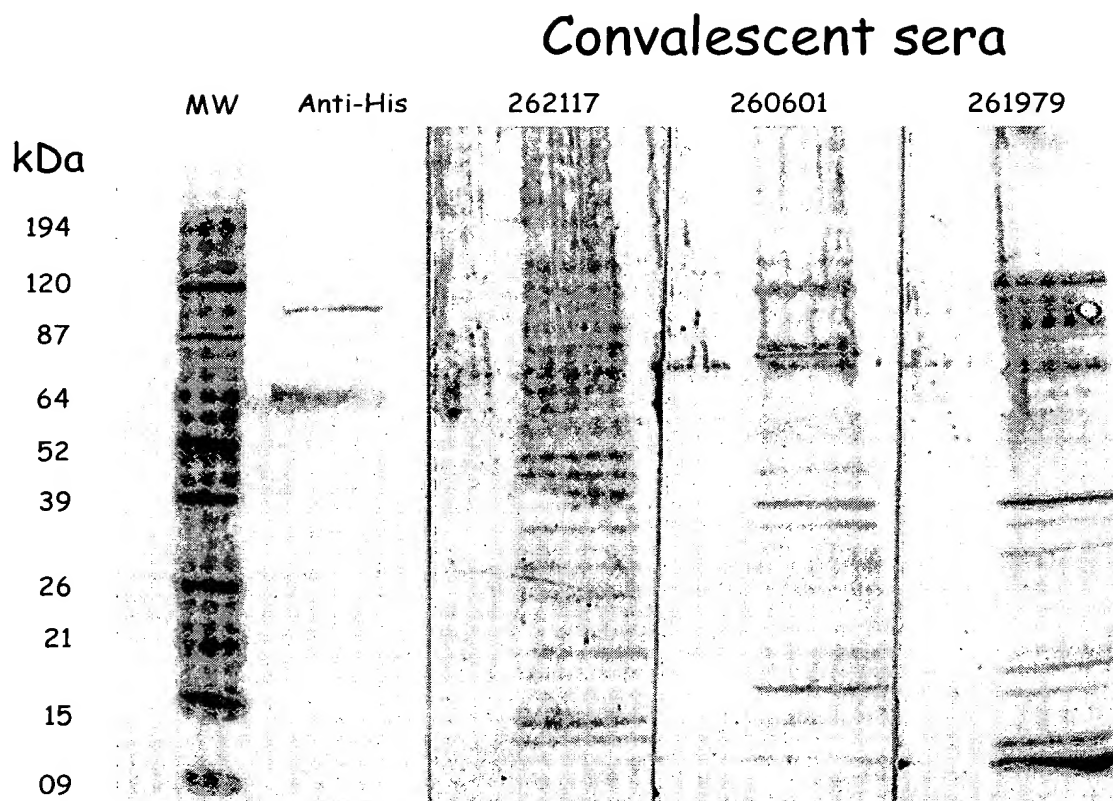
Figure 5



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool



Figure 6



260601

261979

262117